



Τεχνολογικό
Πανεπιστήμιο
Κύπρου

Σχολή Γεωτεχνικών
επιστημών και
Διαχείρισης
περιβάλλοντος

Πτυχιακή εργασία

**Δομική ποικιλομορφία και χαρακτηρισμός των πρωτεϊνών
Avena sativa defensin**

ΒΑΣΙΛΗΣ ΠΟΛΥΒΙΟΥ

Λεμεσός, Μάιος 2021

ΤΕΧΝΟΛΟΓΙΚΟ ΠΑΝΕΠΙΣΤΗΜΙΟ ΚΥΠΡΟΥ
ΣΧΟΛΗ ΓΕΩΤΕΧΝΙΚΩΝ ΕΠΙΣΤΗΜΩΝ ΚΑΙ ΔΙΑΧΕΙΡΙΣΗΣ
ΠΕΡΙΒΑΛΛΟΝΤΟΣ
ΤΜΗΜΑ ΓΕΩΠΟΝΙΚΩΝ ΕΠΙΣΤΗΜΩΝ ΒΙΟΤΕΧΝΟΛΟΓΙΑ ΚΑΙ
ΕΠΙΣΤΗΜΗΣ ΤΡΟΦΙΜΩΝ

Πτυχιακή εργασία

Δομική ποικιλομορφία και χαρακτηρισμός των πρωτεϊνών *Avena
sativa defensin*

του

Βασίλη Πολυβίου

Επιβλέπων Καθηγητής
Δρ. Νικόλαος Νικολουδάκης

Πνευματικά δικαιώματα

Copyright © Βασίλης Πολυβίου, 2021

Με επιφύλαξη παντός δικαιώματος. All rights reserved.

Η έγκριση της πτυχιακής εργασίας από το Τμήμα [...] του Τεχνολογικού Πανεπιστημίου Κύπρου δεν υποδηλώνει απαραίτητως και αποδοχή των απόψεων του συγγραφέα εκ μέρους του Τμήματος.

Θα ήθελα να ευχαριστήσω ιδιαίτερα τον δρ. Νικόλαο Νικολουδάκη που ήταν δίπλα μου καθ' όλη την διάρκεια της εκπλήρωσης της πτυχιακής μου εργασίας και τους γονείς και αδερφές μου που με στήριξαν σε όλη την διάρκεια των σπουδών μου.

ΠΕΡΙΛΗΨΗ

Οι defensins είναι μικρές κατιονικές πρωτεΐνες, με όμοια και συμπαγή δομή, πλούσιες σε κυστεΐνη και διατηρούν την σταθερότητα τους μέσω των δισουλφιδικών δεσμών. Αυτά τα αντιμικροβιακά πεπτίδια (Anti-microbial peptides-AMPs), εκφράζονται ή είναι δυνατόν να υπάρχουν ήδη και να είναι ενεργά σε περίπτωση βιοτικής ή αβιοτικής καταπόνησης. Εκτός από το ότι είναι διαδεδομένες σε όλους του ευκαρυωτικού οργανισμού, έχουν μια τεράστια γκάμα από τρόπους/μηχανισμούς δράσης ενάντια σε παθογόνα και καθιστούν την πρώτη γραμμή άμυνας ως αμυντικός μηχανισμός των φυτών. Στην παρούσα μελέτη, αναλύσαμε μέσω λογισμικών βιοανάλυσης τις defensins της βρώμης (*Avena sativa*), σχετική με τις δομικές αποκλίσεις τους και τα χαρακτηριστικά τους. Οι αλληλουχίες της βρώμης κατατάχθηκαν στην ομάδα C8 λόγω του μοτίβου κυστεϊνών τους που είναι άκρως συντηρημένες. Τα δεδομένα μας έδειξαν ότι πρόκειται για trans-μεμβρανικές πρωτεΐνες με αρκετά συντηρημένα αμινοξέα, με επαναλαμβανόμενα μοτίβα που προδίδουν και τις πανομοιότυπες φυσικοχημικές ιδιότητες τους που τις κάνουν εφικτές να οδηγούνται στον εξωκυττάριο χώρο προς τον στόχο μέσω του πεπτιδίου οδηγού. Εξαίρεση αυτού, είναι η φυλογενετική ανάλυση πως ακόμη και όμοιας δομής, με επαναλαμβανόμενες αλληλουχίες μεταξύ των πρωτεϊνών μας, η ανάλυση μας έδειξε ότι, πρόκειται για πρωτεΐνες που εξελιχθήκαν από διαφορετικές ανεξάρτητες προελεύσεις που παρουσιάζουν υψηλότερο βαθμό συγγένειας με άλλα μονοκοτυλήδονα.

Λέξεις κλειδιά: defensins, *Avena sativa*, αντιμικροβιακά πεπτίδια, αμυντικός μηχανισμός

ABSTRACT

Defensins are small cationic proteins, with a similar and compact structure, rich in cysteine and maintaining their stability through disulfide bonds. These Antimicrobial Peptides (AMPs) are expressed or may already be present and active in the event of biotic or abiotic stress. In addition to being widespread in all eukaryotic organisms, they have a huge range of ways / mechanisms of action against pathogens and make the first line of defense as a defense mechanism of plants. In the present study, we analyzed oat defensins (*Avena sativa*) through bioanalysis software, related to their structural deviations and their characteristics. Oat sequences were classified in group C8 due to their highly conserved cysteine pattern. Our data showed that these are trans-membrane proteins with several conserved amino acids, with repeating motifs that betray and their identical physicochemical properties that enable them to be led to the extracellular space to the target through the peptide leader. An exception to this is the phylogenetic analysis that even of similar structure, with repetitive sequences between our proteins, our analysis showed that these are proteins that evolved from different independent origins that have a higher degree of affinity with other monocotyledons.

Keywords: defensins, *Avena sativa*, antimicrobial peptides (AMPs), defense mechanism